第5卷第3期增刊
1984年9月

动 物 学 研 究
ZOOLOGICAL RESEARCH

Vol. 5, No. 3
Sept., 1984

长春鳊、团头鲂及其杂种染色体组型的比较

A COMPARATIVE OF THE KARYOTYPES IN CHINENSE BREAM, HERBIVOROUS BREAM AND THEIR HYBRID

杂交是鱼类育种的基本手段。自1958年 Gesner 用鲤鱼与金鱼杂交得到世界上第一个有记录的杂种以来，已在56科1980种鱼类间通过杂交形成杂种（小島吉雄，1979）。但鱼类属间及属间以上远缘杂种很少全育。国内进行过大量鱼类远缘杂交，获得了几个两性全育的属间杂种。故此，我们对其中之一的团头鲂X长春鳊及其两个亲本作了染色体组型分析比较。

用于实验的长春鳊(*Parabramis pekinensis*) 4尾，团头鲂(*Megalobrama amblycephala*) 4尾，团头鲂×长春鳊 (*M. amblycephala X P. pekinensis*) 10尾，雌雄约各占一半，均已性成熟，由广东省中山县东风鱼苗场提供。染色体标本以PHA体内注射法（林义浩，1982）用活体鱼的肾细胞制备。实验时间1981年4—5月。染色体数目(2n)根据至少100个完整的中期分裂相的统计结果确定。染色体分组依照 Levan 等(1964)提出的标准。

实验结果得出：（1）长春鳊染色体数目2n=48，可分成A、B二组，分组组成26m+22sm；（2）团头鲂2n=48，也可分成A、B二组，分组组成26m+22sm；（3）团头鲂×长春鳊是二倍体杂种，2n=48，也可分成A、B二组，分组组成26m+22sm；（4）在所有考察和分析过的中期分裂相中，均未发现带有随体、次缢痕等特殊标志的染色体和与性别有关的异形染色体。

长春鳊和团头鲂的染色体组型已有过报道(李渝成等，1983；昝瑞光等，1979)。本实验结果与之比较，在染色体的分类和分组组成上有所出入。不同作者的分析结果见表1。

对同一种鱼染色体组型的分析，不同研究者的结果在染色体数目上往往相同，但在染色体形态类别的确定以及分组组成上却常有差异。这种差异的造成还可能由于制片的材料与方法不同，实验误差以及人为主观性的影响等。考虑到本研究采用同一组织材料和实验方法，我们对上述鱼类染色体组型的比较仍以本文结果进行。比较结果指出，长春

本文的染色体标本在广东省中山县东风鱼苗场制成，显微照片在山西农业大学牧医系拍摄，承以上单位大力支持协助，谨致谢忱。

本文于1983年12月9日收到。

表1 不同作者对长春鳊、团头鲂染色体组型分析结果

鱼 别	作者和年代	材料与方法	染色体分组标准	染色体数目(2n)	染色体分组组成	带特殊标志染色体
长春鳊	李渝成等，1983	肾细胞体外短期培养	Levan 等(1964)	48	14m+26sm+8st	——
	本文	活体鱼肾细胞 PHA 体内注射法	同上	48	26m+22sm	——
团头鲂	昝瑞光等，1979	胚胎细胞空气干燥法	与 Levan 等(1964)基本一致	48	20m+24sm+4st	m组和st组各有1对具次缢痕染色体
	李渝成等，1983	肾细胞体外短期培养	Levan等(1964)	48	18m+26sm+4st	st组有1对具次缢痕染色体
	本文	活体鱼肾细胞 PHA 体内注射法	同上	48	26m+22sm	——

鳊、团头鲂及其杂种三者染色体组型相似（染色体数目相同，分组组成一致），且染色体组型特征也相似（B组都有1对明显最大、可资区别的染色体，染色体按相对长度的大小为序，呈现相似的排列变化）。

细胞遗传学和细胞生物学的有关研究证明，杂种能育与否，关键是性细胞能否顺利通过减数分裂，取决于亲本双方染色体形态结构和性质是否相同或相似。因此，杂种的能育性可以视为亲本之间染色体形态结构和性质相同或相似程度的一种表现。长春鳊、团头鲂染色体组型及其特征相似，本研究已证实其杂种是二倍体，排除了由于形成多倍体导致两性全育的可能；那么，亲本双方染色体组型及其特征的相似是否也反映了染色体结构和性质的相似并从而成为团头鲂×长春鳊两性全育的原因呢？

现存2万多种已有记录的鱼类中，作过染色体研究的达1076种，涉及136科，458属(Васильев, 1980)。前人的工作表明，就全体鱼类而言，染色体组型结构的变化有着明显的演化信息，染色体组型的异同可以作为染色体结构和性质异同的一种形态学标志。但鱼类染色体组型结构的演化情况相当复杂，染色体组型与分类学位置相矛盾，这种令人困惑的现象并不少见。因此，染色体组型相同或相似又未必能反映染色体结构和性质的相同或相似。但是，作为鲤科的一个亚科，鳊亚科鱼类染色体进化过程很保守已为近年来有关的研究报道所初步证明。迄今为止，国内报道过的鳊亚科鱼类染色体未有例外都是2n=48，都有1对明显最大的染色体，反映了这一亚科染色体组型的同源性。李渝成等（1983）研究了5属10种鳊亚科鱼类染色体组型，并未把这些鱼类染色体分组组成的差异看得十分固定，认为这10种鱼具有大致相似的染色体组型。并指出这10种鱼分组组成的情况与分类学上的亲缘关系似无特定的相关性。在同一属内和不同属间，都有一些鱼具有相同的分组组成。在上述作者的报道中，长春鳊和三角鲂染色体分组组成彼此一致(14m+26sm+8st)。而长春鳊×三角鲂也是目前已知的少数几个两性全育属间杂种之一(殷源洪等，1974)。联系到鳊亚科染色体演化的保守性，长春鳊和团头鲂染色体组型及其特征相似反映了染色体结构和性质相似并成为团头鲂×长春鳊两性全育的原因是很有可能的。进一步的研究尚待各种染色体显带技术的应用。

林文浩 (Lin Yihao)
(广东省韶关地区水产研究所)